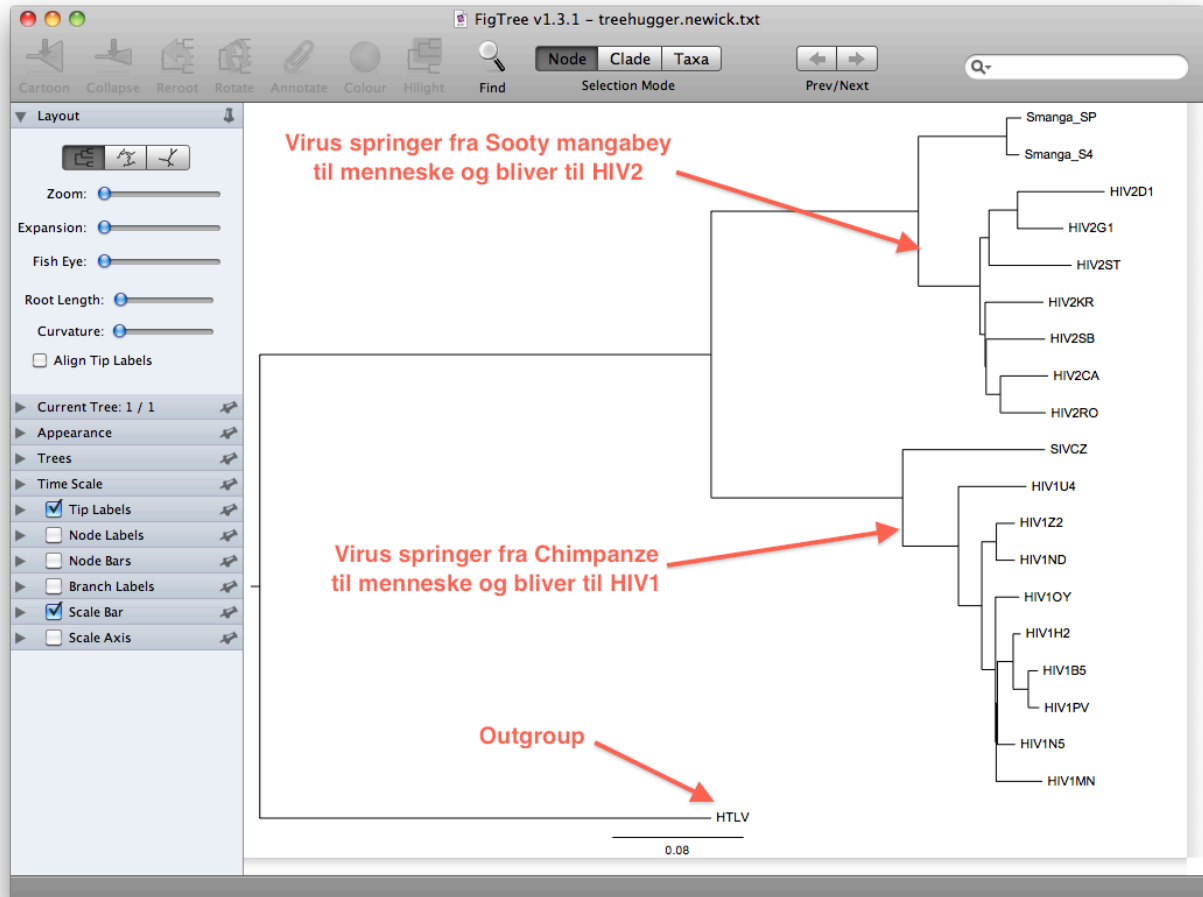


Svar til fylogeniøvelsen.

Trin 1-8 er allerede vist med screenshots på øvelsessiden, så det eneste der mangler er selve slutresultatet, dvs træet rootet på HTLV (rooting udføres som beskrevet i trin 8 og det tilhørende screenshot).



Som det ses er der to hovedgrupper: øverst ses en gruppe med alle HIV2-sekvenserne og tæt på dem de to Sooty mangabey sekvenser (jeg tror ikke der findes et dansk navn for Sooty mangabey aber). Nederst ses en gruppe med alle HIV1-sekvenserne og tæt på dem Chimpanze-sekvensen.

Den mest sandsynlige forklaring på træet her er at HIV1 og HIV2 er opstået ved to uafhængige spring mellem aber og mennesker: HIV1 epidemien er opstået efter at en virus er gået fra en Chimpanze til et menneske (formentligt ved bid eller under tilberedning af "bush meat"). Tilsvarende er HIV2 opstået efter at en virus er sprunget fra abe-arten Sooty mangabey til menneske. Før man fik sekvensdata som disse, troede man at HIV1 og HIV2 var tæt beslægtede (at den ene var opstået ud fra den anden).

Den slags arts-skift er meget, meget sjældne: Der er sikkert mange hændelser hvor en virus overføres fra en abe til et menneske, men i næste alle tilfælde kan virusen ikke inficere eller replicere i mennesket). Men jo flere interaktioner der er mellem dyr og mennesker, jo større sandsynlighed er der for at der på et tidspunkt overføres en virus som pga en række tilfældige mutationer ved et tilfælde KAN inficere og replicere i mennesket.